

5'	A	AGC	GCT	GCA	AGG	ACA	ACC	GGC	TGG	GGT	CCT	TGC	GCG	CCG	GGC	TCA	GGG	AGG	54
		9	18	27	36	45													54
		63	72	81	90	99													108
		AGC	ACC	GAC	TGC	GCC	GCA	CCC	TGA	GAG	ATG	GTT	GGT	GCC	ATG	TGG	AAG	GTG	ATT
		M	V	G	L	M	P	G	P	C	D	G	L	F	H	S	I		
		117	126	135	144	153													162
		GTT	TCG	CTG	GTC	CTG	TTC	ATG	CCT	GGC	CCC	TGT	GAT	GGG	CTG	TTT	CAC	TCC	CTA
		V	S	L	V	L	L	M	P	G	P	C	D	G	L	F	H	S	L
		171	180	189	198	207													216
		TAC	AGA	AGT	GTT	TCC	ATG	CCA	CCT	AAG	GGA	GAC	TCA	GGA	CAG	CCA	TAA	TTT	CTC
		Y	R	S	V	S	M	P	P	K	G	D	S	G	Q	P	L	F	L
		225	234	243	252	261													270
		ACC	CCT	TAC	ATT	GAA	GCT	GGG	AAG	ATC	CAA	AAA	GGA	AGA	GAA	TTG	AGT	TTG	GTC
		T	P	Y	I	E	A	G	K	I	Q	K	G	R	E	L	S	L	V
		279	288	297	306	315													324
		GGT	CCT	TTC	CCA	GGA	CTG	AAC	ATG	AAG	AGT	TAT	GCC	GAC	TTC	CTC	ACT	GTG	AAT
		G	P	F	P	G	L	N	M	K	S	Y	A	D	F	L	T	V	N
		333	342	351	360	369													378
		AAG	ACT	TAC	AAC	AGC	AAC	CTC	TTC	TTC	TGG	TTC	TTC	CCA	GCT	CAG	ATA	CAG	CCA
		K	T	Y	N	S	N	L	F	F	W	F	F	P	A	Q	I	Q	P

FIGURE 1A

FIGURE 1B

	765	774	783	792	801	810
GTG	AAG	ATC	AAC	CTG	AAC	GGA
V	K	I	N	L	N	G
819	828	837	846	855	864	
TCA	ATT	ATA	GGG	GGC	TAT	GCA
S	I	I	G	G	A	I
873	882	891	900	909	918	
AAG	CAA	AAA	AAG	TAC	TTC	CAG
K	Q	K	K	Y	F	Q
927	936	945	954	963	972	
AAG	CAG	AAC	TGG	TTT	GAG	GCC
K	Q	N	W	F	E	A
981	990	999	1008	1017	1026	
TTA	ACA	AGT	GAT	CCT	TCT	TAC
L	T	S	D	P	S	Y
1035	1044	1053	1062	1071	1080	
AAC	TTT	TTG	CGG	TGC	ACG	GAA
N	F	L	R	C	T	E
1089	1098	1107	1116	1125	1134	
TCA	CTC	CCA	GAG	GTG	AGA	CAA
S	L	P	E	V	R	Q

FIGURE 1C

1143	1152	1161	1170	1179	1188
GGA	ACT	ATA	GTT	GAA	AAG
G	T	I	V	E	K
1197	1206	1215	1224	1233	1242
TGG	TTA	ACT	GAA	ATC	ATG
W	L	T	E	I	M
1251	1260	1269	1278	1287	1296
GAC	ATC	ATC	GTG	GCA	GCT
D	I	I	V	A	A
1305	1314	1323	1332	1341	1350
AAA	GGA	TCC	CAG	GAA	AAG
K	G	S	Q	E	Y
1359	1368	1377	1386	1395	1404
AAA	TCT	GAC	AGT	GGA	GTG
K	S	D	S	G	V
1413	1422	1431	1440	1449	1458
GTA	ATT	ATT	CGA	GGT	GGA
V	I	I	R	G	G
1467	1476	1485	1494	1503	1512
TTT	GAC	ATG	ATT	AAT	CGA
F	D	M	I	N	R

FIGURE 1D

FIGURE 1E

1521 1530 1539 1548 1557 1566
TAA ACT ACC TTC CCA AAA GAG AAC ATC AGA GGT TTT CAT TGC TGA AAA GAA AAT

1575 1584 1593 1602 1611 1620
CGT AAA AAC AGA AAA TGT CAT AGG AAT AAA AAA ATT ATC TTT TCA TAT CTG CAA

1629 1638 1647 1656 1655 1665
GAT CTT TTT CAT CAA TAA AAA TTA TCC TTG AAA CAA AAA AAA GAA AAA G 3'

1	M V	- - -	G A M W K V I V S L V L L M P G P C D G I	- - -	F H S L Y R S V	SEQ ID NO:1
1	M V	- - -	G A M W K V I V S L V L L M P G P C D G I	- - -	F H S L Y R S V	SEQ ID NO:3
1	M V	- - -	G A M W K V I V S L V L L M P G P C G G I	- - -	F H S L Y R S V	SEQ ID NO:5
1	M V	- - -	- K F H L L V - L I A F T C Y T C S D A T L W N P Y K K L M R G S	GI 1718107		
1	M I R A A P P P L F L L L L L V S - - -	- - -	- - - - - W A S - - -	- - -	R G E	GI 190283
32	S M P P K	- G D S G Q P L F L T P Y I E A G K I Q K G R E L S L V G P F P G L N	SEQ ID NO:1			
32	S M P P K	- G D S G Q P L F L T P Y I E A G K I Q K G R E L S L V G P F P G L N	SEQ ID NO:3			
32	S M P P K	- G D S G Q P L F L T P Y I E A G K I - - - - -	SEQ ID NO:5			
34	A S P P R P G E S G E P L F L T P L L Q D G K I E E A R N K A R V N H - P M L S	GI 1718107				
28	A A P	- - - - - D Q D E I Q R L P G L A K Q P S F - - -	GI 190283			
71	- M K S Y A D F L T V N K T Y N S N L F F W F F P A Q I Q P E D A P V V I W L Q	SEQ ID NO:1				
71	- M K S Y A G F L T V N K T Y N S N L F F W F F P A Q I Q P E D A P V V I W L Q	SEQ ID NO:3				
55	- - - - - - - - - - -	SEQ ID NO:5				
73	S V E S Y S G F M T V D A K H N S N L F F W Y V P A K N N R E Q A P I L V W L Q	GI 1718107				
48	- R Q Y S G Y L - K S S G S K H L H Y W F V E S Q K D P E N S P V V I W L Q	GI 190283				
110	G E P G G S S M F G L F V E H G P Y V V T S N - M T L R D R D F P W T T T L S M	SEQ ID NO:1				
110	G G P G G S S M X G L F V E H G P Y V V T S N - M T L R D R D F P W T T T X S M	SEQ ID NO:3				
55	- - - - - - - - - - -	SEQ ID NO:5				
113	G G P G A S S L F G M F E E N G P F H I H R N - K S V K Q R E Y S W H Q N H H M	GI 1718107				
84	G G P G C S S I D G L L T E H G P F L V Q P D G V T L E Y N P Y S W N L I A N V	GI 190283				

FIGURE 2A

149	L Y I D N P V G T G F S F T D D T H G Y A V N E D D V A R D L Y S A L I Q F F Q	SEQ ID NO:1
149	L Y I D N P V G T G F S F T D D T H G Y A V N E D D V A R D L Y S A L I Q F F Q	SEQ ID NO:3
55	- - - - -	SEQ ID NO:5
152	I Y I D N P V G T G F S F T D S D E G Y S T N E E H V G E N L M K F I Q Q F F V	SEQ ID NO:1
124	L Y L E S P A G V G F S Y S D D K F - Y A T N D T E V A Q S N F E A L Q D F E R	GT 1718107 GT 190283
189	I F P E Y K N N D F Y V T G E S Y A G K Y V P A I A H L I H S L N P V R E V K I	SEQ ID NO:1
189	I F P E Y K N N D F Y V T G E S Y A G K Y V P A I A H L I H S L N P V R E V K I	SEQ ID NO:3
64	I F P E Y K N N D F Y V T G E S Y A G K Y V P A I A H L I H S L N P V R E V K I	SEQ ID NO:5
192	L F P N L L K H P F Y I S G G K F E V P A F G Y A I H - - N S Q S Q P K I	GT 1718107
163	L F P E Y K N N K L F L T G E S Y A G T Y I P T L A V L V - - - - - M Q D P S M	GT 190283
229	N L N G I A I G D G Y S D P E S I T I G G Y A E F F L Y Q I G L L D E K Q K K Y F Q	SEQ ID NO:1
229	N L N G I A I G D G Y S D P E S I T I G G Y A E F F L Y Q I G L L D E K Q K K Y F Q	SEQ ID NO:3
104	N L N G I A I G D G Y S D P E S I T I G G Y A E F F L Y Q I G L L D E K Q K K Y F Q	SEQ ID NO:5
230	N L Q G L A I G D G Y T D P L N Q L N - Y G E Y L Y E I G L I D L N G R K R F D	GT 1718107
198	N L Q G L A V G N G L S S Y E Q N D N S L V Y F A Y Y H G L L G N R L W S S S L Q	GT 190283
269	K Q C - - H E C I E H I R K Q - N W F E A F E I L D K L L - D G D L T S D P S	SEQ ID NO:1
269	K Q C - - H E C I E H I R K Q - N W F E A F E I L D K L L - D G D L T S D P S	SEQ ID NO:3
144	K Q C - - H E C I E H I R K Q - N W F E A F E I L D K L L - D G D L T S D P S	SEQ ID NO:5
269	E D T - - A A A I A C A E R K - D M N S A N R L I Q G L F - D G - L D G Q E S	GT 1718107
238	T H C C S Q N K C N F Y D N K D L E C V T N L Q E V A R I V G N S G L N I Y N L	GT 190283

FIGURE 2B

304 Y F Q N V T G C S N Y Y N F L R C T E - P E D Q L Y Y V K F L S L P E V R Q A - SEQ ID NO:1
 304 Y F Q N V T G C S N Y Y N F L R C T E - P E D Q L Y Y V K F L S L P E V R Q A - SEQ ID NO:3
 179 Y F Q N V T G C S N Y Y N F L R C T E - P E D Q L Y Y V K F L S L P E V R Q A - SEQ ID NO:5
 303 Y E K K V T G F S S Y Y N F I K G D E S S K Q D S V L M E F L S N P E V R K G - GI 1718107
 278 Y A P C A G G V P S H F R Y E K D T V V Q D L G N I F T R L P L K R M W H Q A GI 190283

342 - I H V G N Q T F N D G - T - - I V E K Y L R E - - - - - D T V Q S V K SEQ ID NO:1
 342 - I H V G N Q T F N D G - T - - I V E K Y L R E - - - - - D T V Q S V K SEQ ID NO:3
 217 - I H V G N Q T F N D G - T - - I V E K Y L R E - - - - - D T V Q S V K SEQ ID NO:5
 342 - I H V G E L P E H D S - D G H N K V A E M I S E - - - - - D T L D T V A GT 1718107
 318 L L R S G D K V R M D P P C T N T A A S T Y L N N P Y V R K A L N I P E Q L P GT 190283

369 P W - L T E I M - N N Y K V L I Y N G SEQ ID NO:1
 369 P W - L T E I M - N N Y K V L I Y N G SEQ ID NO:3
 244 P W - L T E I M - N N Y K V L I Y N G SEQ ID NO:5
 372 P W - V S K L L - S H Y R V L F Y N G GT 1718107
 358 Q W D M C N F L V N L Q Y R R L Y R S M N S Q Y L K L L S S Q K Y Q I L L Y N G GT 190283

386 Q L D I I V A A A L T E R S L M G M D W K G S Q E Y K K A E - K K K V W K I - F SEQ ID NO:1
 386 Q L D I I V A A A L T E R S L M G M D W K G S Q E Y K K A E - K K K V W K I - F SEQ ID NO:3
 261 Q L D I I V A A A L T E R S L M G M D W K G S Q E Y K K A E - K K K V W K I - F SEQ ID NO:5
 389 Q L D I I C A Y P M T V D F L M K M P F D G D S E Y K R A N - R E - - - - I - Y GI 1718107
 398 D V D M A C N - - - - F M G D E W F V D S L N Q K M E V Q R R P W L V K Y GI 190283

FIGURE 2C

FIGURE 2D

424	- K S D S G V A G Y I R Q V G D F H Q V I I R G G H T L P Y D Q P L R A F D M	SEQ ID NO:1
423	- K S D S E V A G Y I R Q V G D F H Q V I I R G G H T L P Y D Q P L R A F D M	SEQ ID NO:3
298	- K S D S E V A G Y I R Q V G D F H Q V I I R G G H T L P Y D Q P L R A F D M	SEQ ID NO:5
423	- R V D G E I A G Y K K R A G R L Q E V L I R N A G H M V P R D Q P K W A F D M	GI 1718107
431	G D S G E Q I A G F V K E F S H I A F L T I K G A G H M V P T D K P L A A F T M	GI 190283
463	I N R F I Y G K G W D P Y V G	SEQ ID NO:1
462	I N R F I Y G K G W D P Y V G	SEQ ID NO:3
337	I N R F I Y G K G W D P Y V G	SEQ ID NO:5
462	I T S F T H K N - - - Y L	GT 1718107
471	F S R E L N K - - - Q P Y	GT 190283